

SEQ ID NO:21	MRSSCCSSAIGGFFDHRRELSTSTPISTLLPLPSTKSSFSVRCSLPQPSKPRSGTSSVHA	
SEQ ID NO:12	-----PAPRNGK-----LRAANNSATPIAKVE-	
SEQ ID NO:14	-----K-----Q-	
SEQ ID NO:22	MARVFESDSGSG-----CS-----	
SEQ ID NO:16	MAKAAEQSPDSG-----	
SEQ ID NO:18	-----	
	1	60

SEQ ID NO:21	VMTLAGSLTGKKRVDESESLTLEGIRNSLIRQEDSIIFGLLERAKYCYNADTYDPTAF-D	
SEQ ID NO:12	-----RVDRSDILTDSIRQVLIRLEDSSIIFGLLERAQFCYNADTYDSNAF-H	
SEQ ID NO:14	-----RIDQSEILTDNIRTSLVRQEDSSIIFSLLERAQFCYNADIYDKNAF-H	
SEQ ID NO:22	-----NVLSLDLIRRESLIRQEDTIVFSLIERAKFPLNSPAFEESRCLD	
SEQ ID NO:16	-----NVYTLASVREDLVRQEDTIYGLIERAKFSPNSHTYDE-KYAAQ	
SEQ ID NO:18	-----	
	61	120

	* * * * *	
SEQ ID NO:21	MDGFNGSLVEYMWKGTETKLHAKVGRFKSPDEHPFFPDDDLPEPMLPPLQYPKVLHFAADSI	
SEQ ID NO:12	MDGFGGSLVEYIVRETEKLHAQVGGRYKSPDEHPFFFSKDLPEPRLPPMQYPRVLHPIADSI	
SEQ ID NO:14	VDGFDGSLVEFMVRETEKLHQQVGGRYKSPDEHPFFPEDLPEPLLPPLQYPKVLHPIADSI	
SEQ ID NO:22	SGSF-SSLTEFFVRETEIIQAKVGGRYVEEENPFFLENIPHSVFPTHKYPSALHPKALSV	
SEQ ID NO:16	IQGFCGSLVEFVVKNTETAIQAKAGRYKNPEENAFFPENLPPSIVPSYSFKQFLHPGAASI	
SEQ ID NO:18	-----ARAEFFVREAEVLHAKAGHYQKPEDVPFFSQDLPFPVFPPTKGRPKVLHPFASLV	
	121	180

FIG. 1A

SEQ ID NO:21	NINKKIWNMYFRDLVPRLVKKGDDGNYGSTAVCDALCLQCLSKRIHYGKFVAEAKFQASP	181
SEQ ID NO:12	NINKEIWKMYFDELLPRLVKEGSDGNAGSSALCDTTCLQALSRRRIHYGKFVAEAKFQESP	
SEQ ID NO:14	NINKEIWKMYFDELLPRLVKEGSDGNYGSSALCDTICLQALSRIHYGKFVAEAKFQESP	
SEQ ID NO:22	NINKQIWDIYFKELLPLFVKPGDDGNYPTAASDLACLQALSRRRIHYGKFVAEVKFRDAP	
SEQ ID NO:16	NINKSIWKMYFKELLPLLATSGDDGNYAQTAANDLSLLQSISSRIHYGKFVAEVKFRDAP	
SEQ ID NO:18	CVNDAIWKMYFNELLPLFTADGDDGNYAETVALDFACLQALSRRRIHCGKYVAEVKFKDAP	240
181		
SEQ ID NO:21	EAYESAIIKAQDKDRLMDMLTFTPTVEDAIKKRVEMKTRTYGQEVKVGMEKEEEEEEGNES	
SEQ ID NO:12	EAYTPAIIAQDRDQLMNLLTYETVERAIEHRVEAKAKIFGQEVNIG-----AKDNGSP	
SEQ ID NO:14	EAYMPAIIAQDCDQLMHLLTYETVERAIEHRVEAKAKIFGQEVNIG-----AEDNGAP	
SEQ ID NO:22	QDYEPAIRAQDREALMKLLTTFEKVEEMVKKRVQKKAETFGQEVKF--NSGYGDES----K	
SEQ ID NO:16	QDYEPLIRAKDKEGLMKLLTFTSVEETVRKRVEKKAVVFGQEVNL--NSDDNDNE-----N	
SEQ ID NO:18	QDYSPPIRAKDTNALMNLLTFTTAVEEKVKKRVEKKARIFGQNVTL--EDSVGKQDGDACD	300
241		
SEQ ID NO:21	HVYKISPILVGDLYGDWIMPLTKEVQVEYLLRRLD	
SEQ ID NO:12	PVYKIRPSLVAELYSYRIMPLTKVEVEVAYLLKRRLD	
SEQ ID NO:14	PMYKIRPSLVAELYSYRIMPLTKEVQVAYLLRRLD	
SEQ ID NO:22	KKYKVDPLLASRIYGEWLIPLTKLVEVEYLLRRLD	
SEQ ID NO:16	RKF--DPSVASSLYKNWVIPLTKEVQVEYLLRRLD	
SEQ ID NO:18	SHCKVDPKVLCLKLYDMVMVMPITKDVEVEYLLRRLD	301
335		

Fig. 1B